

生命条形码与生命之树*

陈之端^{1**}, 李德铎^{2**}

(1 中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室, 北京 100093; 2 中国科学院昆明
植物研究所生物多样性与生物地理学重点实验室, 云南 昆明 650201)

摘要: 生命条形码和生命之树的研究与应用在近十年内备受关注, 成为生命科学研究领域的两个热点。本文综述了生命条形码和生命之树的概念来源、研究现状、面临问题与解决方案, 并对其发展前景进行了展望。生命之树概念的形成有着悠久的历史渊源, DNA 条形码的提出和实施则只有十年的历史, 两者均得益于测序技术和生物信息技术的蓬勃发展; 但两者的目的不同, 生命条形码技术旨在实现对物种的快速鉴定, 而生命之树研究的主要目的则是重建生命世界的起源和进化历史以及各生物类群之间的亲缘关系, 因此应根据两者不同的目标任务而采取相应的发展思路和顶层设计。本文针对目前生命条形码和生命之树研究领域遇到的瓶颈和问题进行了阐述, 并提出了相应的解决方案。最后, 作者建议我国学者抓住机遇, 与多个领域的学者和工程技术人员广泛合作, 推动 DNA 条形码鉴定技术和生命之树理论研究的快速发展。

关键词: DNA 条形码; 生命之树; 条形码数据系统; 物种鉴定仪

中图分类号: Q 31, Q 10

文献标识码: A

文章编号: 2095-0845(2013)06-675-07

On Barcode of Life and Tree of Life

CHEN Zhi-Duan^{1**}, LI De-Zhu^{2**}

(1 *State Key Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093, China*; 2 *Key Laboratory of Biodiversity and Biogeography, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650201, China*)

Abstract: Barcode of Life and Tree of Life have attracted much attention in the recent decade and are two hotspots in the realm of biology. The authors reviewed the conceptual initiation, research progress, bottlenecks and resolving strategies for both Barcode of Life and Tree of Life, and discussed perspectives of their development and applications in the future. The concept of Tree of Life have been developed with a long history, while DNA barcoding has been promoted for a decade, and studies on the two subjects have been greatly accelerated by the advances of DNA sequencing technology, bioinformatics and computational biology. Despite of these, objectives of the two subjects are quite different. DNA barcoding aims to rapidly identify species with a short and standard region of DNA sequences, while Tree of Life focuses on exploring the origin of species and reconstructing phylogenetic relationships among organisms. Therefore, different strategies and overall considerations should be made correspondingly to the distinguishable goals of Barcode of Life and Tree of Life. Uncertainty in species circumscription and sampling strategies is addressed as the major bottleneck deterring the development of Barcode of Life and Tree of Life, and appropriate suggestions are provided. Finally the authors suggest that Chinese scientists should take the advantage of the current resources to push forward theoretical accomplishment of the Tree of Life, as well as the application of DNA barcoding through collaboration with engineers from the fields of bioinformatics and computer sciences.

* 基金项目: 国家重大科学研究计划项目 (2014CB954100); 国家自然科学基金面上项目 (31270268)

** 通讯作者: Authors for correspondence; E-mail: zhidian@ibcas.ac.cn; dzl@mail.kib.ac.cn

收稿日期: 2013-10-20, 2013-10-24 接受发表

作者简介: 陈之端 (1964-) 男, 博士, 研究员, 主要从事植物系统学研究;

李德铎 (1963-) 男, 博士, 研究员, 主要从事植物分类、系统学和生物地理学研究。

Key words: DNA barcoding; Tree of Life; Barcode of Life Data System; Species barcoder

1 两个概念, 不同渊源

生命条形码 (Barcode of Life) 或 DNA 条形码 (DNA barcoding) 和生命之树 (Tree of Life, 简称 TOL) 这两个概念在最近十年已得到生命科学领域的普遍接受并受到了极大关注, 这与测序技术和计算机信息技术的快速发展密不可分。测序技术的成熟, 使得人类对各类分子数据 (氨基酸、核苷酸序列等) 的获取能力大大提升, 这些海量而蕴含着遗传和进化信息的数据为人们从分子、细胞、组织、个体、居群和生态系统, 以及结构、形态和功能等各个层面和角度探索和理解生命世界的起源和多样性发生、维持和演变提供了最为直接的证据, 而计算机信息技术的发展则为处理和分析这些数据提供了强有力的工具。

生命之树概念的形成具有着悠久的历史渊源, 其正式提出可以追溯到 1859 年达尔文的不朽名著《物种起源》(Darwin, 1859)。达尔文在该书中将生命之树作为系统发育 (或系统发生、种系发生; Phylogeny) 的同义语, 认为地球上的一切生命形式都起源于一个共同祖先, 并且物种之间的关系及其进化历史有着一种树状结构的关联, 即 “the great Tree of Life”, 这就像一棵树, 有树根、树干和枝叶, 按照每一个物种演化水平的不同, 在生命之树上总能找到它的位置。生命之树重建的目标就是利用由共同祖先遗传下来的性状建立能够表明物种间真实亲缘关系的自然分类系统。在不同的类群范围内, 根据物种性状的差异从而定义出门、目、科、属、种和变种等分类等级, 代表了生命之树上的主干、分支和末梢。这些反映类群间关系的生命之树不仅有助于人类理解生命和各大门类生物的起源、演化和彼此之间亲缘关系, 还能加深人们对现有生物多样性及其演化历史和趋势的理解和认识。

相比而言, 生命条形码则是一个较新的概念, 从正式提出至今只有十年的时间 (Herbert 等, 2003a, b, 2004; 任保青和陈之端, 2010); 即使考虑到早期与之相似的概念, 如, 分子分类 (DNA 分类) 或分子鉴定等, 其研究历史也不超过 30 年 (Tautz 等, 2002, 2003; Ren 等, 2010)。DNA 条形码技术是依靠 DNA 序列数据对生物有机

体进行鉴定 (宁淑萍等, 2008; 肖金花等, 2004)。尽管它是近年来分子数据注入分类学后才产生的, 但人们对自然界物种鉴定的渊源至少可以追溯到 260 年前的林奈时期, 甚至到 2300 年前古希腊的亚里士多德时代。但无论林奈还是亚里士多德, 其分类的目的就是给万物以名称并分门别类, 其中并无生物进化思想。亚里士多德主张自然发生论, 认为有些生物是从无机物中产生的, 如苍蝇是从腐烂的东西中产生的, 而鳗鱼则是从水底的淤泥中产生的 (长谷川政美, 2004)。林奈虽然提出将命名的生物按照某个性状或某些性状排列成一个自然系统, 但他认为物种是上帝创造的、是固定不变的, 因此其分类系统的目的仅仅是命名、排列和鉴别物种, 并不反映类群间的亲缘关系。在达尔文之后, 分类学的概念和研究范围均得以外延, 除了对生物进行描述和分门别类外, 还将对类群之间的系统发育和进化关系的研究作为重点。在某种意义上, 可以说生命条形码延续了从林奈时期至今对物种分门别类的传统, 主要目的是对生物进行识别鉴定; 生命之树则反映了自达尔文以来物种进化的思想, 主要目的是重建生物间的亲缘关系。

2 两个热点, 各有侧重

2012 年 8 月, 中国科学技术协会在云南昆明主办了题为 “植物 DNA 条形码前沿探讨” 的学术沙龙, 随后出版了同名学术论文集对植物 DNA 条形码的新观点和新学说进行了探讨 (中国科协学会学术部, 2013)。此次学术沙龙由李德铎、汪小全、陈士林作为领衔专家, 来自中国科学院、中国医学科学院等有关研究所, 以及四川大学、西北大学等高校的 30 余位专家在会议中对植物 DNA 条形码研究现状、面临的问题和应用前景等进行了激烈讨论, 取得了很大成功。美中不足的是, 此次学术沙龙缺少实际应用和技术开发方面的专家, 因此对 DNA 条形码应用技术或相关产品和设备的开发方面讨论较少。而与此对应的科研工作者则常常倾向于强调 DNA 条形码应为分类学或系统与进化生物学的发展服务, 如用条形码发现隐型种, 定义新物种, 考察已定名的物种是否是好种, 或对已存在的物种范

围进行界定等。当然，仅仅认为 DNA 条形码技术是为学科发展服务的观点是不全面的，因为它与生命之树研究的目的有着本质的不同。DNA 条形码本身是一种技术，能把不同的物种进行区分为其主要目的，将有凭证的生物有机体贴上相应的条形码鉴定标签就已经完成了它的任务，而探讨生物的系统与进化问题则属于生命之树关注的重点。DNA 条形码与最初林奈的分类理念十分相似，即首先对自然界中的生物进行观察、分类和命名，并确定一个模式标本对应生物的名称，然后通过与其他模式标本进行对比确定是否为同种。因此，DNA 条形码技术的开发主要包括两个方面：（1）建立全面、标准和有标本凭证的 DNA 条形码数据库；（2）在条形码数据库的基础上开发实用方便的物种鉴定仪产品（任保青和陈之端，2010）。鉴定仪的突破一方面在技术层面，特别是测序技术的突破上。测序仪的微型化是研究出可携带鉴定仪的关键；而将测序时间缩短，使测序能随时随地进行也是实现快速鉴定的必要条件。另一方面，DNA 条形码数据库中数据的丰富度和精准度是开发鉴定仪的重要前提。针对这一问题，可行的方案是根据数据覆盖度和精准度对鉴定仪进行逐步升级，如 1.0 版鉴定到科，2.0 版鉴定到属，3.0 版鉴定到种。另外，还可根据数据库中涵盖类群的不同，有针对性地开发不同用途的鉴定仪，如药用植物、珍稀濒危植物、海关或法医物种鉴定仪等。

综上所述，尽管 DNA 条形码与生命之树密切相关，但作为一种鉴定技术，并非要等到把所有物种的分类、系统发育和进化问题都解决了之后再发挥其鉴定功能。这就好像林奈的《植物种志》（Linnaeus, 1753）比达尔文的《物种起源》早出版了一百多年，尽管林奈的工作不具有进化的思想，但其在达尔文提出进化思想前就已经对自然界中的众多生物类群进行了细致地观察和合理地分类、命名一样。

3 两条轨迹，相同瓶颈

虽然生命条形码和生命之树在概念的形成和发展上历史轨迹不同，两者的目标和任务也不尽相同，但目前限制生命条形码和生命之树发展的瓶颈和存在的问题却几乎相同，有趣的是这些瓶

颈和问题早在 1859 年就已经被达尔文指出来了。

第一个是物种界定的标准问题。物种的界定并没有一个严格的标准可以遵循，特别是植物物种之间经常存在过渡类型。这些类型常被不同的分类学家当成杂种或变种处理，然而一个类型被认为是另一个类型的变种，也常常是因为形态上的趋同，而非在它们之间找到了过渡类型。因此，不同的分类学家将一个类型处理为物种还是变种时常存在差异，这往往是由于个人依据的物种概念和分类经验的不同所引起的。达尔文引用 De Candolle 对栎属（*Quercus*）分类的例子来说明物种划分的不确定性。De Candolle 认为在栎属 300 个物种中，至少有 2/3 是假定的种，他同时指出：“有人一直认为大部分物种都有明确的界限，而可疑物种只是极少数，这种观点是错误的。只有在我们了解甚少，仅凭少数标本来确定属内的物种时才有这种情况，因为在这些属内物种是暂时假定的。随着我们对这些属了解的加深，中间类型会不断出现，对于物种界限的怀疑也就增加了”（Darwin, 1859）。上述讨论虽然发生在 150 多年前，但这些问题仍是当前学术界争论的焦点。同样，有些由连续变异的广布种分成的若干小种（杭悦宇，2013）或是“爆发式”物种形成的类群，用当前推荐的 DNA 条形码也不能进行有效区分。这些都是由于物种界定标准差异引起的限制 DNA 条形码技术发展和普及的瓶颈。这些问题对当下筛选 DNA 条形码和建立 DNA 条形码数据库的工作提出了更高的要求。对于前者，应充分开发和利用基因组数据，从叶绿体、线粒体特别是核基因组中挑选更有效的 DNA 条形码（汪小全，2013；Zhang 等，2012）。对于数据库的构建，则要求建库的每一步都扎实到位，如合理制定取样策略，建立完善的凭证标本和图像系统。所有这些工作都是下一步顺利开发物种鉴定仪的基础。物种界定标准的不确定同样是生命之树研究所面临的巨大困惑，因为生命之树的首要任务就是重建分类群之间的亲缘关系。但生命之树在讨论种级以上类群的问题时，往往可以弱化该问题产生的影响，且构建生命之树本身即是学术研究的过程，在研究中可以不断验证和更新对物种的界定标准。但 DNA 条形码作为一种技术手段，如果希望实现其物种鉴定的

目的,则需要全国甚至世界范围内统一对物种的界定标准。目前最可行的策略是参考18世纪以来的分类学指定模式标本并兼顾地理分布的做法,把DNA条形码鉴定发展成一个动态的、可查询的、可纠错的系统,使每一个生物有机体的DNA条形码有凭证标本即标准DNA条形码。当然,标准DNA条形码不能仅仅局限于从标本馆的命名学模式标本上获取,应该建立一个全面的、有标本凭证的标准DNA条形码数据库。这说明DNA条形码鉴定从一开始就依赖分类学建立条形码数据库,最终也不可能脱离分类学而独立完成对物种的准确鉴定。与生命之树相比,DNA条形码具有明确的目的性,只要能达到区分有机体的目的,即使没有系统发育或进化意义的片段也可以选取。DNA条形码与我们的身份证编码类似,通过身份证编码可以方便快捷地查找到对应的个人信息,而至于其亲缘关系,如父母是谁,则不是身份证编码所考虑的问题。

第二个瓶颈是居群取样标准的确定。由于物种的标准或范围有时是模糊的,因此取多少个体能代表一个物种同样难以确定。DNA条形码鉴定既然是一种技术,就需要有质量监控系统,这就要求DNA条形码数据库的建设一开始就有严格、统一的标准(高连明等,2012)。DNA条形码数据库在有凭证标本的前提下,如果能按照居群采样策略选取数量不等的不同个体作为物种代表,那么依赖这种数据库开发的鉴定仪的分辨率则可达到种级。当然,这些工作不可能一步到位,我们应该认识到这是一个必须经过尝试、总结、调整、积累和发展的长期过程。但这些要求不应成为放缓DNA条形码鉴定技术发展的理由。即DNA条形码鉴定仪的开发并非要等到数据库极度完善时才开始。事实上,鉴定所有的物种永远是人类的一个终极目标,也是一个哲学上的极限问题。我们应该从现在开始就启动物种鉴定仪的研发工作,进而逐步将其完善。

最后,条形码的筛选应该是一个动态的过程。尽管植物界目前还缺少像动物界线粒体Cytocchrome Oxidase I (COI)那样的通用条形码,但我们没有必要放弃目前的几个候选片段,而将所有精力投入到全新条形码的筛选中。合理的策略应该是一边建立目前的条形码数据库,一边筛

选更有效的条形码。目前,*rbcL*+*matK*已经可以准确地将绝大部分物种鉴定到科属水平,也是连接生命条形码与生命之树的绝佳植物DNA标记,因为最早运用DNA序列数据在科、目水平上探讨植物各大类群系统发育框架的努力就是从用*rbcL*开始的(Chase等,1993)。中国植物条形码研究团队的工作表明,ITS (ITS2)在种级分辨率上适用于大多数类群(李德铎,2013, p29)。既然我们的研究表明ITS (ITS2)目前是在种一级对很多类群都非常有效的分子标记(Li等,2011a; Chen等,2010),我们就应先将其应用于物种的鉴定,同时对利用这一序列难以解决的,如快速演化而无法分辨的“疑难类群”再进行深入研究。即使将来无法找到通用的条形码,我们也可以采取“条形码词典”的策略,即利用通用条形码实现对大多数类群的鉴定,对少数疑难类群采用特殊条形码进行鉴定。我们希望这些需要特殊条形码的类群是极少数的,但可以想象这些类群也可能会有很多,这就需要我们开发出不同的针对不同疑难类群的特殊条形码,以实现人类对所有物种进行快速、准确鉴定的梦想。

4 顶层设计, 迎接未来

尽管生命之树和生命条形码的目标和任务不同,前者侧重研究,后者偏重应用,但两者的快速发展均得益于近30年来日益成熟的测序技术和计算机技术的进步。生命之树和生命条形码均属于需要开展全国性的和国际性合作的大科学(megascience or gigascience)。这种大规模的合作不仅需要来自不同学科领域的研究人员之间的合作,DNA条形码技术的广泛应用还需要各类技术开发人员的参与才能实现。这就要求项目开展之前在国家层面进行顶层设计,项目的实施要遵循周密合理的统筹组织,发挥和利用中国体制上的优势,形成全国一盘棋,有计划、有步骤地进行。

对于DNA条形码,我们建议在国家层面上对研究队伍和项目经费进行统一组织管理,参照中国科学院、国家科技部和国家自然科学基金委员会三个部委联合资助《中国植物志》、《中国动物志》和《中国孢子植物志》的模式,按照发展我国生物产业的思路,争取率先研发出方便、快捷、准确的物种鉴定仪产品以占领国内外

市场。目前中国在 DNA 条形码研究和应用方面的资金投入较大,已经接近或超越了一些欧美发达国家,在人才队伍建设方面亦开始显示出优势。中国植物条形码团队以 ITS 作为核心条形码的建设工作已经得到世界同行的广泛认可 (Hollingsworth, 2011),同时中国作为国际生命条形码四个中心结点之一,也是目前提交植物 DNA 条形码数量最多的国家 (参见 <http://www.boldsystems.org/>)。然而,中国植物 DNA 条形码工作的开展也受到一些制约,中国多次希望能与最大的 DNA 条形码数据系统 (Barcode of Life Data System, 即 BOLD) 网站建立适时更新的镜像站点,但经过几番努力仍未成功 (王雨华, 2013),这种处境与中国在植物 DNA 条形码方面取得的成绩和为世界做出的贡献是不相称的。除了我国在其它生物门类如动物、微生物条形码数据的提交方面相对较慢的因素外,可能还涉及到超越学术和技术问题的各国经济实力的竞争,这些竞争直接关乎各国的核心利益。在硬件方面,研发出手机式的物种鉴定仪并非一种遥不可及的梦想,目前加拿大圭尔夫大学已研发出进行条形码鉴定的越野车工作站并投入使用 (李德铎, 2013)。就像早期的计算机要装满几间房子一样,从大型机到微型机、到最终可携带的终端产品也是基于 DNA 条形码的物种鉴定仪的发展方向。DNA 条形码技术的应用将改变人类目前的生活方式。随着物质文明的进步,人们对生态文明和精神层次的需求也与日俱增,特别是回归自然、对生物多样性知识的渴求为便携式物种鉴定仪带来了广阔的市场前景。根据中国目前在植物 DNA 条形码领域取得的进展,我们有实力参与竞争,但关键要有紧迫感,并转变定式思维,将 DNA 条形码作为一个应用产业布局开发,而不是仅将它视作学术理论研究的一个副产品。否则,我们现阶段的研究成果只能为其他技术先进的国家所利用,最终造成我们产生大量数据却没有自己的知识产权;不能将目前的研究优势转化为经济优势,而只能购买其他国家的鉴定仪,这无疑对学术研究和市场经济都是巨大的损失。由此可见, DNA 条形码作为一种蕴涵巨大市场潜力的实用技术,要求我们一定要尽快建立起一支有效的、组织严密的研发队伍,集中生物、计算

科学、电子仪器和市场方面的优秀人才协作攻关,抢先研发出中国第一代物种鉴定仪产品。

相对于植物 DNA 条形码 (Li 等, 2011b, JSE 专辑),生命之树研究在中国开展的更早,早在 2002 年春天美国密西根大学仇寅龙博士给中国科学院植物研究所洪德元院士的信中就开始酝酿 TOL 项目。经过十多年的发展,中国已培养出一批年轻人才。2007 年中国在北京组织国际生命之树学术研讨会 (Hong 等, 2008, JSE 专辑),与会的中国学者近 300 人,其中多数为中青年学者。中国在分子系统发育研究领域的整体水平已处于世界领先水平,一些实验室、研究群体机构在中国许多门类的生命之树重建方面已经取得了一些世人瞩目的成果 (如 Ge 等, 1999; Li 等, 2004; Wang 等, 2009, 2012; Wang 等, 2000; Wu 和 Ge, 2012; Zhang 等, 2003; Zhang 等, 2011; Zhang 等, 2012; Zhu 等, 2007)。生命之树的研究既具有重要的学术意义也具有应用价值。从林奈时代以来,分类、系统与进化学者就开始致力于发现和记录地球上的物种,研究物种间的系统关系和进化。达尔文进化论不仅在生命科学领域影响深远,同时也改变了人类的世界观,成为人类科学发展史上的一座丰碑。系统分类和进化生物学的研究成果与人类的生存和生活息息相关。特别在备受关注的生物多样性保护和全球变化研究领域,迫切需要进化生物学家的参与,从而达到采用新策略和新手段来发现并准确记录生物遗传多样性和系统发育多样性现状和变化的目的 (葛学军, 2013; Donoghue, 2008; Donoghue 等, 2009; Wiens 和 Donoghue, 2004)。2001 年,国际生物多样性计划 (DIVERSITAS) 启动了一个新的核心计划,即 bioGENESIS,目的是为了促进将系统进化方法应用于生物多样性问题的研究当中,从而加深人们对于生物多样性问题的理解和认识 (中国科学院生物多样性委员会, 2013)。在项目实施和战略布局上,生命之树的研究更需要顶层设计。这不仅需要在国内进行有效的组织安排,而且需要中国学者参加诸如 bioGENESIS 和其他相关的学术组织和项目,开展相关行动计划等,但目前这些组织中还缺少中国人的身影。我们呼吁中国系统分类和进化生物学家行动起来,积极参与相关国际合作,通过利用新技术精

确鉴定物种的手段,并整合网络信息资源参与全球网络生命大百科(Encyclopedia of Life,即EOL)的构建,尽快完成中国的iFlora(李德铎等,2012;李德铎,2013),并在物种适应性特征进化与地理分布格局关系、群落系统发育多样性等方面,为生物多样性和全球变化的研究和决策提供进化的观点。与此同时,国家应该对进化生物学,特别是生命之树研究进行宏观布局,合理统筹分配目前相对较为充足的科研基金和项目经费,从而使中国的科研工作形成研究合力并产生相应的国际影响力。

5 结语

生命之树与生命条形码是目前生命科学领域备受关注的两个热点。自46亿年前地球诞生以来,生命有机体经历了大约38亿年的历程才演化出如此多样的物种,构成了如此丰富多彩的生物多样性和生命世界。可以想象,对自然界中各类生物的好奇应该在人类认识自然的最初阶段就存在了,对生物分门别类继而命名是人们最直接和最原始的认知冲动。千百年来学者们对生物的分类命名从未间断过,同时认识生物、利用生物和保护生物也是人类文明的重要部分。随着生物产业的迅速发展,生物资源对提升国家的经济竞争力尤为关键,这对物种分类鉴定和资源信息服务在生物多样性保护、可持续利用和生态环境建设等方面提出了更高的要求。DNA条形码正是伴随着近一、二十年生物信息技术和分子生物学技术应用到生物分类学领域而产生的新技术,具有广阔的发展前景,其最终将实现对所有物种的快速和准确鉴定。一方面,这一技术可以为国家的经济和生态文明建设服务;另一方面,在物质文明高度发达的当今社会,现代人崇尚回归自然,提倡人与自然和谐相处,对物种的快速自动鉴定可以满足人们不断增长的对植物识别和观赏的精神需要。在对自然界中各类生物的鉴定以及分门别类的认知基础之上,人们还希望进一步知道这些生物之间是什么关系,是什么时候在哪里出现的。生命之树研究的目的就是重建生物界的进化历史,通过一棵巨大的系统树把地球上现有的多种多样的生物联系在一起。分子生物学和基因组技术,特别是测序技术的成熟,为我们实现

这一目标提供了可能。生命之树研究不仅可以促进DNA条形码技术的完善,同时也在系统进化生物学和生态学之间构架起一座沟通的桥梁,通过两学科的交叉结合使我们能够更全面地研究和理解生物多样性的起源、时空格局、动态变化及其环境制约机制等。

中国学者在生命条形码的研究应用和生命之树研究方面已经取得了显著进展,通过自上而下的宏观布局,进而促进不同学科间研究人员的交流合作,以及科研人员与工程技术人员的协同促进,相信成功研发出第一代的物种鉴定仪已经指日可待;而生命之树的研究也会放眼更为广阔的视角,以“树”作为框架,结合生态学、功能基因组学、生物地理学、古生物学、发育生物学等学科关注的热点问题,集成相关学科的研究方法和思路,进而产生有显著创新性和持久国际影响力的重大研究成果。

致谢 特别感谢鲁丽敏、张景博和孙苗修改文章初稿。

〔参考文献〕

- 长谷川政美,任文伟,杨莉琴,2004. 听基因讲祖先的故事 [M]. 上海:上海科技教育出版社
- 葛学军,2013. 群落系统发育与DNA条形码 [A]. 见:中国科协学会学术部编,植物DNA条形码前沿探讨 [M]. 北京:中国科学技术出版社,11—21
- 杭悦宇,2013. 植物DNA条形码研究的瓶颈与思考 [A]. 见:中国科协学会学术部编,植物DNA条形码前沿探讨 [M]. 北京:中国科学技术出版社,71—77
- 李德铎,2013. 从DNA条形码到新一代的植物志iFlora [A]. 见:中国科协学会学术部编,植物DNA条形码前沿探讨 [M]. 北京:中国科学技术出版社,62—70
- 江小全,2013. 植物DNA条形码研究现状与DNA条形码筛选 [A]. 见:中国科协学会学术部编,植物DNA条形码前沿探讨 [M]. 北京:中国科学技术出版社,4—10
- 王雨华,2013. 植物DNA条形码数据库的建设现状 [A]. 见:中国科协学会学术部编,植物DNA条形码前沿探讨 [M]. 北京:中国科学技术出版社,33—38
- 中国科协学会学术部,2013. 植物DNA条形码前沿探讨 [M]. 北京:中国科学技术出版社
- 中国科学院生物多样性委员会,2013. 生物多样性译丛(五) [M]. 北京:中国林业出版社
- Chase MW, Soltis DE, Olmstead RG *et al.*, 1993. Phylogenetics of seed plants: an analysis of nucleotide sequences from the plastid gene *rbcL* [J]. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, **80**: 528—580

- Chen SL, Yao H, Han JP *et al.*, 2010. Validation of the ITS2 region as a DNA barcode for identifying medicinal plant species [J]. *PloS ONE*, **5**: e8613
- Darwin C, 1859. *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life* [M]. London: John Murray
- Donoghue MJ, 2008. A phylogenetic perspective on the distribution of plant diversity [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* (Supp.), **1**: 11549—11555
- Donoghue MJ, Yahara T, Conti E *et al.*, 2009. bioGENESIS: Providing an evolutionary framework for biodiversity science [M]. DIVERSITAS. DIVERSITAS Report N° 6, bioGENESIS Science Plan and Implementation Strategy
- Gao LM (高连明), Liu J (刘杰), Cai J (蔡杰) *et al.*, 2012. A synopsis of technical notes on the standards for plant DNA barcoding [J]. *Plant Diversity and Resources* (植物分类与资源学报), **34** (6): 592—606
- Ge S, Sang T, Lu BR *et al.*, 1999. Phylogeny of rice genomes with emphasis on origin of allotetraploid species [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **96**: 14400—14405
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL *et al.*, 2003a. Biological identifications through DNA barcodes [J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, **270**: 313—321
- Hebert PDN, Ratnasingham S, deWaard JR, 2003b. Barcoding animal life: cytochrome oxidase subunit 1 divergences among closely related species [J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* (Suppl.), **270**: S96—S99
- Hebert PDN, Penton EH, Burns JM *et al.*, 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator* [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **101**: 14812—14817
- Hollingsworth PM, 2011. Refining the DNA barcode for land plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **108**: 19451—19452
- Hong DY, Qiu YL, Chen ZD *et al.*, 2008. Tracing patterns of evolution through the Tree of Life: Introduction [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **46** (3): 237—238
- Li DZ, Gao LM, Li HT *et al.*, (China Plant BOL Group), 2011a. Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **108**: 19641—19646
- Li DZ, Liu JQ, Chen ZD *et al.*, 2011b. Plant DNA barcoding in China [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **49** (3): 165—168
- Li DZ (李德铎), Wang YH (王雨华), Yi TS (伊廷双) *et al.*, 2012. The next-generation Flora, iFlora [J]. *Plant Diversity and Resources* (植物分类与资源学报), **34**: 525—531
- Li RQ, Chen ZD, Lu AM *et al.*, 2004. Phylogenetic relationships in Fagales based on DNA sequences from three genomes [J]. *International Journal of Plant Sciences*, **165** (2): 311—324
- Linnaeus C, 1753. *Species Plantarum* [M], Vol.2. Stockholm, Sweden
- Ning SP (宁淑萍), Yan HF (颜海飞), Hao G (郝刚) *et al.*, 2008. Current advances of DNA barcoding study in plants [J]. *Biodiversity Science* (生物多样性), **16**: 417—425
- Ren BQ (任保青), Chen ZD (陈之端), 2010. DNA barcoding plant life [J]. *Chinese Bulletin of Botany* (植物学报), **45** (1): 1—12
- Ren BQ, Xiang XG, Chen ZD, 2010. Species identification of *Alnus* (Betulaceae) using nrDNA and cpDNA genetic markers [J]. *Molecular Ecology and Resources*, **10** (4): 594—605
- Tautz D, Arctander P, Minelli A *et al.*, 2002. DNA points the way ahead of taxonomy-in assessing new approaches, it's time for DNA's unique contribution to take a central role [J]. *Nature*, **418**: 479—479
- Tautz D, Arctander P, Thomas RH *et al.*, 2003. A plea for DNA taxonomy [J]. *Trend in Ecology & Evolution*, **18**: 70—74
- Wang W, Jacques FMB, Ortiz RDC *et al.*, 2012. Menispermaceae and the synchronous diversification of tropical rainforests near the Cretaceous-Paleogene boundary [J]. *New Phytologist*, **195** (2): 470—478
- Wang W, Lu AM, Ren Y *et al.*, 2009. Phylogeny and classification of Ranunculales: evidence from four molecular loci and morphological data [J]. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, **11** (2): 81—110
- Wang XQ, Tank DC, Sang T, 2000. Phylogeny and divergence times in Pinaceae: evidence from three genomes [J]. *Molecular Biology and Evolution*, **17**: 773—781
- Wiens JJ, Donoghue MJ, 2004. Historical biogeography, ecology and species richness [J]. *Trends in Ecology & Evolution*, **19** (12): 639—644
- Wu ZQ, Ge S, 2012. Phylogeny of the BEP clade in grasses revisited: evidence from whole genome sequences of chloroplast [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **62**: 573—578
- Xiao JH (肖金花), Xiao H (肖晖), Huang DW (黄大卫), 2004. DNA barcoding: new approach of biological taxonomy [J]. *Acta Zoologica Sinica* (动物学报), **50**: 852—855
- Zhang WH, Chen ZD, Li JH *et al.*, 2003. Phylogeny of the Dipsacales s. l. based on chloroplast *trnL-F* and *ndhF* sequences [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **26**: 176—189
- Zhang YJ, Ma PF, Li DZ, 2011. High-throughput sequencing of six bamboo chloroplast genomes: phylogenetic implications for temperate woody bamboos (Poaceae: Bambusoideae) [J]. *PloS ONE*, **6** (5): e20596
- Zhang N, Zeng L, Shan H *et al.*, 2012. Highly conserved low-copy nuclear genes as effective markers for phylogenetic analyses in angiosperms [J]. *New Phytologist*, **195** (4): 923—937
- Zhu XY, Chase WC, Qiu YL *et al.*, 2007. Mitochondrial *matR* sequences help to resolve deep phylogenetic relationships in rosids [J]. *BMC Evolutionary Biology*, **7**: 217